

Democratizando a Bioinformática

Kelly Hidalgo, Tiago Palladino, Victor Borin, Carla Paixão

2021-03-22

Contents

Prefacio	5
Por que ler/usar este livro?	7
Estrutura do livro	7

Prefacio





Esta é um guia **simples** e **didático** para se inciar no munda da bioinformática para processamento e análises de sequenciamento em grande escala. No primeiro volume serão abordadas as análises de sequenciamento do amplicon do gene 16S rRNA pela plataforma *Illumina*.

Por que ler/usar este livro?

Este livro foi pensando para ajudar pessoas que tem pouca ou nenhuma experiência com bioinformática e no seus trabalhos ou projetos precisam analisar dados de microbiomas obtidos a partir de sequenciamento em larga escala, especialmente na plataforma Illumina. É um guia teórico/prático para processar este tipo de dados com total independência.

Foi criado a partir da experiência dos autores, quem também tiveram que enfrentar dificuldades para iniciar com este tipo de análises e pensando em isto desenvolveram o presente guia para ajudar a novos iniciantes.

Estrutura do livro

O primeiro volume, está dividido em três grandes partes. A primeira tem uma introdução ao mundo das linguagens de programação, onde serão introduzidos os comandos mais básicos para se desenvolver na linha de comando. A segunda parte contempla o processamento de dados de sequenciamento do amplicon 16S rRNA, desde a obtenção dos dados, passando pelo controle de qualidade, a eliminação de quimeras, clusterização em ASV (*Amplicon sequence variant*) e anotação taxonômica, usando três ferramentas diferentes (*Qiime2*, *DADA2*, *Galaxy*) . Por último, são abordadas as análises para geração de gráficos e estatísticas utilizando principalmente a linguagem **R**, no entanto também são apresentadas outras alternativas.